

PhD. – České Budějovice

Sledování a využívání poznatků o genetické biodiverzitě mezi populacemi hospodářských zvířat

Dvořák Josef

prof. Genetiky živočichů

Ústavu genetiky



MZLU v Brně



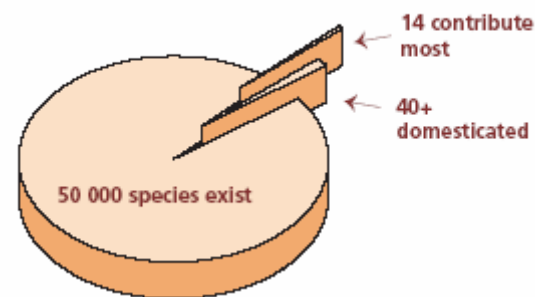
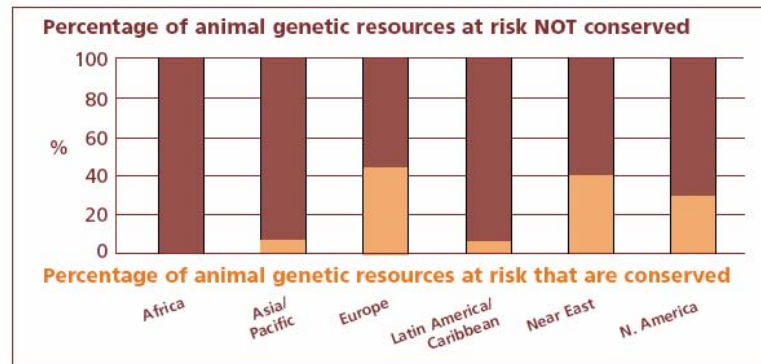
Pro seminář doktorského týmu 25. – 26. 10. 2004

Biodiverzita genetických zdrojů hospodářských zvířat

FAO

- organizuje celosvětové projekty na uchování biodiverzity živočichů a rostlin
- hosp. zvířat existuje
4000 plemen
z 28 druhů domestikovaných zvířat
z 180 zemí světa
- provozuje: Domestic animal diversity information systém = DAD – IS
- projekt FAO: MoDAD = Measurement of Domestic Animal Diversity

Conservation of domestic animal diversity



Národní managementy ochrany genetických zdrojů

- v ČR: „Národní koordinační centrum pro ochranu a využití genových živočišných zdrojů“
sídlo: VUŽV Uhřetěves
- Řídící orgán: Rada GŽZ
- Z ČR v DAD – IS
28 plemen skotu
20 plemen ovčí
10 plemen prasat
9 plemen koní
5 plemen slepic
1 plemeno hus
- Jeden ze 4 hlavních cílů RGŽZ je:
„Zajistit postupné zpracování MS všech plemen gen. zdrojů pro registraci biolog. rozmanitosti a studium vzdálenosti mezi plemeny téhož druhu“

Sledování biodiverzity hospodářských zvířat - národní projekty v rámci FAO



- metody – různorodé
 - nejvíce MS
 - výhledově SNP

- Tab. Přehledu MS u všech druhů

- Ceny z projektů

Table 9.1 Descriptive statistics on costs of genetic distancing studies (figures in US dollars).

Cost	Projects	Range		Mean	Median
		Minimum	Maximum		
Whole project	41	500	14,000,000	131,622	20,000
Sampling animals	29	0	336,000	35,772	6000
Genotyping	31	1200	2,791,000	90,032	13,500
Statistical analysis	28	0	620,000	22,164	1000
Project coordination	29	0	304,100	10,486	3000

Ranked list of suggested markers by species.

For details see:

<http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf>

Cattle	Buffalo	Yak	Goat	Sheep	Pig	Horse	Donkey	Chicken	Camelids
IRAG03	CSSM033	AGLA203	SRCRSP5	MAF05	SO020	HM307	HM307	ADL0266	CM50
IRAG05	CSSM038	BM1824	MAF05	CaFCB193	SO155	HM308	HM308	MCW0206	CM513
ETH025	CSSM043	BM2113	MAF70	CaJMP29	SO008	HT007	HT007	LE00186	CM515
ILST0005	CSSM047	CSSM055	SRCRSP23	CaJMP58	Sw0410	AHT05	AHT05	MCW0295	CM517
HEL5	CSSM058	ETH152	CaFCB48	CaFCB304	Sw030	HT004	HM303	MCW0081	CM518
HEL1	CSSM059	ETH025	IRAG03	BM1125	SO155	HM302	HM302	MCW0104	CM525
IRAG05	CSSM060	HEL1	SRCRSP2	CaFCB128	Sw04	AS002	HT006	MCW0183	CM532
ETH152	CSSM029	HEL5	CaJAE54	CaJCP34	Sw032	HM303	HT010	ADL0278	CM580
IRAG03	CSSM041	HEL13	SRCRSP6	CaJVT2	Sw1041	HT006	AHT04	MCW0067	CM5121
ETH10	CSSM057	ILST0008	SPS115	CaJH47	Sw038	HT010	ASB17	MCW0104	CM5131
HEL9	BM1	ILST0028	IRASBRN172	DM511	SO218	AHT04	ASB23	MCW0123	CM5132
CSSM05	CSSM032	IRAG05	CaFCB30	SRCRSP1	SO228	VHL20	LEX33	MCW0330	CM5136
IRAG03	CSSM008	MO1948	CSRD047	SRCRSP9	Sw122	ASB17	LEX34	MCW0185	CM5138
ETH0	CSSM045	MO197	MAJ027	MCM140	Sw087	ASB23	SO2V28	MCW0069	CM5137
BM2113	CSSM022	TOLA53	ILST0087	MAF33	SO007	LEX33	LEX36	MCW0048	LCAB5
BM1824	CSSM048	TOLA57	IRAG03	MAF209	Sw040	UCDE0425	COR058	MCW0111	CM5139
HEL13	CSSM013	TOLA73	ILST0011	IRAG03	SP1	LEX34	COR069	MCW0020	CM5140
IRAG03	ETH023	TOLA122	SRCRSP7	CaFCB20	Sw0408	SO2V28	VHL206	MCW0034	CM5141
BM1818	CSSM051	TOLA126	ILST0005	BM1126	Sw72	COR058	ASB02	LE00234	CM5142
ILST0005	BM1013	TOLA227	SRCRSP15	MAF214	SO228	COR058	HM320	MCW0123	CM5143
BM12	DR03	ETH155	SRCRSP3	ILST111	SO090	VHL206	COR027	MCW0222	CM5144
CSSM05	CSSM062	ILST0013	ILST0029	CaFCB225	Sw2008	COR007	LEX34	MCW0015	CM5145
ETH155	CSSM070	ILST0050	TOLA23	ILST028	Sw1067	LEX34	LEX37	MCW0037	CM5146
HAUT24	ETH121	SPS115	ETH10	MAF70	SO101	LEX37	COR022	MCW0068	CM5147
HAUT27	ILST0033	BM051	MAF209	BM1824	Sw1528	COR022	LEX33	LE00094	CM5148
TOLA227	ILST0005	BM1	IRASBRN185	HJ018	SO143	LEX33	COR018	MCW0284	CM5149
TOLA126	ILST0030	IRAG189	BM044	CaJCP38	SO008	COR019	COR071	MCW0078	CM5150
TOLA122	ILST0008		P19 (DVA)	ILST05	SO178	COR071	HM345	LE00192	CM5151
TOLA53	RM06		TORV05	CaJAE129	Sw011	HM345	NYHE0054	ADL0112	CM5152
SPS115	HAB10R		DR0F1	SRCRSP5	SO002	COR082	COR082	MCW0215	CM5153
				MCM527					

Vyhodnocování genetických distancí v projektech genových zdrojů (FAO 2004)

Table 7.1 **Number of projects where a specific genetic distance measure was calculated.**

Genetic distance measure	Number of projects
Shared allele distance	12 (14 %)
Nei's standard genetic distance	58 (67 %)
Nei's minimum genetic distance	21 (24 %)
Rogers' distance	11 (13 %)
Cavali-Sforza and Edwards chord distance	22 (25 %)
Nei's DA distance	41 (47 %)
Reynold's genetic distance for short term evolution	22 (25 %)
Goldstein <i>et al.</i>	6 (7 %)
Average Squared Distance	6 (7 %)
Shriver <i>et al.</i> 's distance	6 (7 %)
Other genetic distance measures	19 (22 %)

Používaný software pro hodnocení genetických distancí

Table 7.2 **Number of projects in which specific computer software was used to calculate genetic distances.**

Software	Number of projects
PHYLP http://evolution.genetics.washington.edu	26
PAUP* http://paup.csit.fsu.edu	4
DISPAN http://ftp.bio.indiana.edu	15
POPGENE http://www.ualberta.ca/~fyeh	8
ARLEQUIN http://lgb.unige.ch/arlequin	5
GENETIX http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix/genetix.htm	5
MICROSTAT	7
BIOSYS-1; BIOSYS-2	11

- ❑ grafické znázornění genet. distancí „distanční stromy“
- ❑ metody Neighbor-Joining NJ – nejpoužívanější UPGMA
- ❑ v softwaeru PHYLIP, PAUP

Biodiverzita skotu

- v DAD-IS – 1493 plemen
- z ČR – 28 plemen
- ve vyhlášce Mze ČR

2 plemena: česká červinka
český strakatý skot



- molekulární gen. informace o skotu z 27 národních projektů

- získávání biologických vzorků:

24 projektů – krev

14 projektů – krev + chlupy,
sperma, tkáně, mléko

17 projektů – vytváří DNA banku

- sledování gen. markerů:

21 projektů MS v různém počtu

9 projektů mtDNA nebo Y spec. DNA

- sledované markery

Table 4.1 Types of genetic markers analyzed in cattle projects.

Types of genetic markers	Number of projects
Biochemical markers	6 (25 %)
Blood groups	5 (21 %)
Allonyms	3 (13 %)
Microsatellites	21 (88 %)
AFLP	2 (8 %)
RFLP	4 (17 %)
SNP	3 (13 %)
Other markers	3 (13 %)

Výsledky sledování FAO doporučených lokusů v nár. projektech v r. 2003 (FAO 2004)

□ FAO – skot

□ sledování FAO doporučených MS lokusů v projektech biodiverzity skotu

Table 5.1 Number of projects with cattle in which FAO-recommended microsatellite loci were genotyped (total of 21 projects)

Recommended microsatellite loci	Number of projects	Percentage of projects
BM1818 (D23S21)	12	57 %
BM1824 (D1S34)	18	86 %
BM2113 (D2S26)	16	76 %
CSRM60 (D10S5)	9	43 %
CSSM66 (D14S31)	10	48 %
ETH3 (D19S2)	15	71 %
ETH10 (D5S3)	17	81 %
ETH152 (D5S1)	12	57 %
ETH185 (D17S1)	9	43 %
ETH225 (D9S1)	19	90 %
HAUT24 (D22S26)	11	52 %
HAUT27 (D26S21)	10	48 %
HEL1 (D15S10)	12	57 %
HEL5 (D21S15)	12	57 %
HEL9 (D8S4)	10	48 %
HEL13 (D11S15)	11	52 %
ILSTS005 (D10S25)	14	67 %
ILSTS006 (D7S8)	13	62 %
ILSTS011 (D14S16)	5	24 %
ILSTS030 (D2S44)	4	19 %
ILSTS033 (D12S31)	5	24 %
ILSTS034 (D5S54)	3	14 %
ILSTS054 (D21S44)	3	14 %
INRA005 (D12S4)	11	52 %
INRA023 (D3S10)	14	67 %
INRA032 (D11S9)	11	52 %
INRA035 (D16S11)	12	57 %
INRA063 (D18S5)	11	52 %
MM8 (D2S29)	5	24 %
MM12 (D9S20)	11	52 %

Výsledky - skot

- u skotu je doporučeno 30 MS pro genetické distanční studie
- všech 30 MS bylo použito pouze ve 3 projektech
- nejpoužívanější MS lokusy
ETH225 – více než 90% projektů
BM1824 – u 86% projektů
ETH10 – u 81% projektů
- FAO vybralo dalších 38 MS
- 51 MS testoval – 1 projekt
10 projektů testovalo SPS115, TGL122
11 projektů testovalo TGLA126 a TGL227
12 projektů testovalo TGLA122

Panel MS pro diverzitu skotu

FAO / ISAG - 2004

Nr.	Name	Chr.	Alele range	Diversity studies
1.	INRA063 (D18S5)	18	167-189	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R11, R12, R13
2.	INRA005 (D12S4)	12	135-149	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R11
3.	ETH225 (D9S1)	9	131-159	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R11, R12, R14, R15, R16, R17
4.	ILSTS005 (D10S25)	10	176-194	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R14, R15, R18, R20
5.	HEL5 (D21S15)	21	145-171	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R13, R14, R15, R16
6.	HEL1 (D15S10)	15	99-119	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R12
7.	INRA035 (D16S11)	16	100-124	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R14
8.	ETH152 (D5S1)	5	181-211	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R11, R12, R14, R15, R16, R17
9.	INRA023 (D3S10)	3	195-225	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R11, R12, R19
10.	ETH10 (D5S3)	5	207-231	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R12, R17, R19
11.	HEL9 (D8S4)	8	141-173	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R13
12.	CSSM66 (D14S31)	14	171-209	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R10
13.	INRA032 (D11S9)	11	180-204	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R11
14.	ETH3 (D19S2)	19	103-133	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R12, R17, R19
15.	BM2113 (D2S26)	2	122-156	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R9, R10, R12, R13, R17, R19
16.	BM1824 (D1S34)	1	178-197	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R9, R10, R12, R17, R19
17.	HEL13 (D11S15)	11	178-200	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R9, R10
18.	INRA037 (D10S12)	10	112-148	R1, R2, R3, R7, R8, R9, R10, R11
19.	BM1818 (D23S21)	23	248-278	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R10, R12, R17
20.	ILSTS006 (D7S8)	7	277-309	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R10, R18
21.	MM12 (D9S20)	9	101-145	R1, R2, R3, R4, R5, R6, R10, R19
22.	CSRM60 (D10S5)	10	79-115	R1, R2, R3, R4, R5, R10
23.	ETH185 (D17S1)	17	214-246	R1, R2
24.	HAUT24 (D22S26)	22	104-158	R1, R2, R10
25.	HAUT27 (D26S21)	26	120-158	R1, R2, R10
26.	TGLA227 (D18S1)	18	75-105	R1, R2, R10, R12, R17, R18
27.	TGLA126 (D20S1)	20	115-131	R1, R2, R10, R12, R17, R18, R19
28.	TGLA122 (D21S6)	21	138-184	R1, R2, R10, R18, R17, R19
29.	TGLA53 (D16S3)	16	143-191	R1, R2, R12, R17
30.	SPS115 (D15)	15	234-258	R1, R2, R17, R19

Biodiverzita prasat

- ❑ v DAD-IS – 654 plemen
- ❑ v ČR 10 plemen
- ❑ ve vyhlášce Mze ČR
1 plemeno – Přestické černostrakaté
- ❑ molekulárně genetické informace o prasatech z 6-ti národních projektů
- ❑ získávání biologických vzorků
6 projektů – krev
jen ojediněle - tkáně, chlupové cibulky, sperma
pouze 1 projekt uchovávání vzorků pro další DNA analýzy

sledované markery: **Table 4.6 Number of projects with pigs in which a specific type of sample was collected.**

Types of genetic markers	Number of projects
Biochemical markers	3 (50 %)
Allozymes	1 (17 %)
Microsatellites	6 (100 %)
AFLP	1 (17 %)
RFLP	1 (17 %)
SNP	2 (33 %)

FAO – prase

- 4 z 6-ti projektů testovaly všechny FAO doporučené MS (27)
- u prasat velká variabilita testovaných MS – celkem 90 MS
- pouze 1 publikace o diverzitě s použitím 18-ti MS doporučených FAO

Table 5.3 Number of projects with pigs in which FAO-recommended microsatellite loci were genotyped (total of six projects)

Recommended microsatellite loci	Number of projects	Percentage of projects
CGA	4	67 %
IGF1	4	67 %
S0002	4	67 %
S0005	4	67 %
S0026	4	67 %
S0068	5	83 %
S0090	5	83 %
S0101	4	67 %
S0155	4	67 %
S0178	4	67 %
S0215	4	67 %
S0218	4	67 %
S0225	4	67 %
S0226	4	67 %
S0227	5	83 %
S0228	5	83 %
S0355	5	83 %
S0386	5	83 %
SW122	4	67 %
SW24	5	83 %
SW240	5	83 %
SW632	4	67 %
SW72	5	83 %
SW857	5	83 %
SW911	5	83 %
SW936	5	83 %
SW951	4	67 %

Panel MS pro diverzitu prasat

FAO / ISAG - 2004

Nr.	Name	Chr.	Allele range	Diversity studies
1.	S0026	16	87 - 105	R1, R2, R3, R4, R6
2.	S0155	1	142 - 162	R1, R2, R3, R4, R6
3.	S0005	5	203 - 267	R1, R2, R3, R4, R6
4.	Sw2410	8	90 - 131	R5, R6
5.	Sw630	10	168 - 203	R6
6.	S0355	15	244 - 271	R1, R2, R3, R4, R6
7.	Sw24	17	95 - 124	R1, R2, R3, R4, R6
8.	Sw632	7	148 - 178	R1, R2, R3, R4, R6
9.	Swr1941	13	202 - 224	R6
10.	Sw936	15	90 - 116	R1, R2, R3, R4, R6
11.	S0218	X	158 - 205	R1, R2, R3, R4, R6
12.	S0228	6	220 - 246	R1, R2, R3, R4, R6
13.	Sw122	6	106 - 128	R1, R2, R3, R4, R6
14.	Sw657	14	141 - 159	R1, R2, R3, R4, R6
15.	S0097	4	209 - 250	R6
16.	sw240	2	92 - 124	R1, R2, R3, R4, R6
17.	IGF1	5	193 - 209	R1, R2, R3, R4, R6
18.	Sw2406	6	222 - 262	R6
19.	Sw72	3	97 - 114	R1, R2, R3, R4, R6
20.	S0226	2	180 - 210	R1, R2, R3, R4, R6

21.	S0090	12	227 - 249	R1, R2, R3, R4, R6
22.	Sw2008	11	95 - 108	R5, R6
23.	Sw1067	6	136 - 176	R6
24.	S0101	7	197 - 221	R1, R2, R3, R4, R6
25.	Sw1828	1	82 - 110	R6
26.	S0143	12	150 - 167	R6
27.	S0068	13	211 - 262	R1, R2, R3, R4, R6
28.	S0178	8	101 - 128	R1, R2, R3, R4, R6
29.	Sw911	9	149 - 173	R1, R2, R3, R4, R6
30.	S0002	3	186 - 216	R1, R2, R3, R4, R6

Biodiverzita koní

- ❑ V DAD – IS – 830 plemen
- ❑ v ČR – 9 plemen
- ❑ ve vyhlášce Mze ČR 4 plemena koní:
starokladrubský, českomoravský belgický, huculský kůň, slezský norik
- ❑ molekulárně genetické informace o koních z národních projektů
- ❑ získávání biologických vzorků
všechny projekty – krev
2 projekty – chlupové cibulky
1 projekt uchovává vzorky, ale ne izolovanou DNA

sledované markery

Table 4.7 Number of projects with horses and asinines in which a specific type of sample was collected.

Types of genetic markers	Number of projects
Biochemical markers	4 (67 %)
Blood groups	1 (17 %)
Allozymes	2 (33 %)
Microsatellites	5 (83 %)
RFLP	3 (50 %)
Other markers	2 (33 %)

FAO - koně

Table 5.7. Microsatellite loci used in four genetic distancing studies with horses

AHT4	HTG10
AHT5	HTG15
ASB2	LEX3
ASB17	LEX32
ASB23	LEX33
HMS1	LEX34
HMS2	LEX35
HMS3	LEX41
HMS6	TKY19
HMS7	TKY321
HTG4	UCDEQ405
HTG6	VHL20
HTG7	

Panel MS pro diverzitu koní

FAO / ISAG - 2004

Marker List for the Horse				
	Name	Chr.	Allele range	Diversity studies
1.	HMS07	1	185 – 183	R1,R2,R3,R4,R5,R6,R7,R8
2.	HMS06	4	153 – 169	R1,R2,R3,R4,R5,R6,R7
3.	HTG07	4	120 – 130	R1,R2,R3,R4,R5,R6,R7,R8
4.	AHT05	8	130 – 146	R1,R2,R3,R4,R5,R6,R7
5.	HTG04	9	127 – 141	R1,R2,R3,R4,R5,R6,R7,R8
6.	HMS02	10	218 – 238	R1,R2,R3,R4,R5,R6,R7,R8
7.	ASB02	15	222 – 254	
8.	HMS03	9	150 – 170	R4,R5,R6,R7,R8
9.	HTG06	15		
10.	HTG10	21		
11.	AHT04	24		
12.	VHL20	30		
13.	ASB17	2	91 – 109	R1,R2,R3,R7
14.	ASB23	3	128 – 154	R7
15.	LEX33	4	203 – 217	R7
16.	UCDEQ425	28		
17.	LEX34	5	245 – 255	
18.	SGCV28	7	151 – 163	
19.	COR058	12	210 – 230	
20.	COR089	13	273 – 279	

21.	VHL209	14	X5	84 – 96
22.	COR007	17		158 – 170
23.	LEX54	18	X5	165 – 177
24.	LEX73	19		234 – 264
25.	COR022	22		254 – 264
26.	LEX83	23		241 – 249
27.	COR018	25	X6	249 – 271
28.	COR071	26	X6	190 – 202
29.	HMS45	27		185 – 197
30.	COR082	29		192 – 228

Ukázka z recentní publikace o genetické diverzitě skotu

doi:10.1111/j.1365-2052.2004.01089.x

Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites

J. C. Mateus*, M. C. T. Penedo[†], V. C. Alves*, M. Ramos* and T. Rangel-Figueiredo*

*CECAV- Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Departamento de Zootecnia, Apartado 1013, 5000-911 Vila Real, Portugal.

[†]Veterinary Genetics Laboratory, School of Veterinary Medicine, University of California, Old Davis Road, Davis, CA 95616, USA

Table 2 Markers characterization and PCR parameters for the 30 microsatellites.

Locus ¹	BTA	Number of alleles	Allele size range (bp)	Primer (μ M)	T _a (°C)
BM1824 ^{2,3,4}	1	7	178–190	0.22	58
BM 2113 ^{2,3,5}	2	11	121–143	0.11	58
INRA023 ^{2,3,6}	3	14	196–222	0.40	58
MGTG4B ^{3,4}	4	14	129–155	0.15	60
RM067	4	8	90–106	0.75	58
ETH10 ^{2,3,4,6}	5	11	113–225	0.15	60
ETH152 ^{3,5,6}	5	8	193–211	0.12	58
ILSTS035	6	24	210–270	0.80	58
RM006	7	8	110–124	0.25	58
HEL9 ^{3,6}	8	12	147–169	0.03	52
ETH225 ^{2,3,4,5,6}	9	10	140–158	0.15	60
SPS113	10	13	133–157	0.15	60
BRRIBO	10	13	238–262	0.30	58
HEL13 ³	11	6	185–195	0.03	52
TGLA345	12	10	112–142	0.05	58
CSSM036	14	10	162–182	0.08	60
SPS115 ²	15	8	246–260	0.40	58
TGLA53 ^{3,4}	16	18	154–188	0.15	60
ETH185	17	13	221–245	0.03	66
TGLA227 ^{3,4}	18	12	77–99	0.35	58
ETH3 ^{2,3,4,6}	19	11	103–131	0.20	60
TGLA126 ^{2,3,4}	20	8	111–125	0.50	58
TGLA122 ^{2,3,4}	21	19	135–181	0.32	58
ETH131 ^{4,5}	21	29	140–173	0.50	58
BM2613	22	11	159–179	0.16	58
CYP21 ⁴	23	33	183–222	0.20	58
BM1818	23	7	258–270	0.30	58
ILSTS065	24	11	126–146	0.08	58
HEL11	26	13	184–218	0.10	58
BM203	27	18	115–241	0.04	58

¹Microsatellites included in the FAO–MoDAD programme are given in bold.

²Markers used by Hanslik *et al.* 2000.

³Markers used by Martín-Burriel *et al.* 1999.

⁴Markers used by Ritz 1997.

⁵Markers used by MacHugh *et al.* 1997, 1998.

⁶Markers used by Cañón *et al.* 2001.

Table 3 Summary statistics showing observed and expected heterozygosity, total (TNA) and mean (MNA) number of alleles, observed heterozygote deficiency (F_{IS}) and number of loci deviating from HWE.

Breeds	Heterozygosity		TNA	MNA	MNA corrected ¹	F_{IS}	HWE deviations
	Expected	Observed					
ALT	0.6776	0.6380	208	6.93	6.20	0.0589	1
ARO	0.7301	0.7173	225	7.50	6.97	0.0177	0
BAR	0.6952	0.6767	208	6.93	6.33	0.0270	0
BRV	0.6484	0.5533	181	6.03	5.83	0.1482	5
CAR	0.7125	0.7430	213	7.10	6.33	-0.0432	0
GRV	0.7066	0.7264	197	6.57	6.57	-0.0286	0
MNT	0.7247	0.7020	237	7.90	7.40	0.0316	0
MRH	0.6983	0.6733	210	7.00	6.23	0.0361	0
MRT	0.7471	0.6960	242	8.07	7.23	0.0691	0
MRO	0.7171	0.7287	208	6.93	6.30	-0.0163	0
MIR	0.6276	0.6127	170	5.67	5.26	0.0241	0
CHA	0.7118	0.7035	244	8.13	7.30	0.0118	0

¹Average of random samples of 30 individuals per breed, except for GRV.

Table 4 Results of *F*-statistics per locus in 12 cattle breeds.

Locus	<i>f</i>	<i>F</i>	θ
BM1818	0.004 (0.032)	0.054 (0.031)	0.050 (0.011)**
BRRIBO	0.036 (0.028)	0.126 (0.036)**	0.094 (0.032)**
SPS115	0.118 (0.028)**	0.198 (0.035)**	0.091 (0.021)**
INRA23	0.071 (0.029)	0.157 (0.027)**	0.092 (0.012)**
CYP21	0.050 (0.022)	0.141 (0.032)**	0.096 (0.020)**
ETH152	0.015 (0.021)	0.091 (0.034)**	0.076 (0.020)**
BM1824	0.020 (0.036)	0.072 (0.036)	0.053 (0.013)**
ETH131	0.038 (0.036)	0.149 (0.036)**	0.115 (0.034)**
TGLA122	-0.003 (0.031)	0.078 (0.035)**	0.081 (0.022)**
BM2113	0.007 (0.019)	0.144 (0.044)**	0.138 (0.040)**
RM067	0.012 (0.034)	0.080 (0.034)*	0.069 (0.014)**
TGLA227	0.039 (0.024)	0.112 (0.027)**	0.076 (0.018)**
ETH3	0.012 (0.020)	0.108 (0.037)**	0.097 (0.031)**
ETH225	0.044 (0.019)	0.148 (0.031)**	0.109 (0.036)**
TGLA53	0.039 (0.018)	0.128 (0.027)**	0.092 (0.024)**
MGTG4B	-0.033 (0.022)	0.044 (0.037)**	0.074 (0.033)**
SPS113	0.008 (0.019)	0.107 (0.031)**	0.101 (0.032)**
ETH10	0.006 (0.035)	0.184 (0.087)**	0.179 (0.078)**
CSSM36	0.044 (0.033)	0.121 (0.034)**	0.080 (0.024)**
ILSTS035	0.056 (0.035)	0.179 (0.060)**	0.129 (0.048)**
BM2613	0.014 (0.022)	0.089 (0.031)**	0.075 (0.020)**
ILSTS065	-0.002 (0.030)	0.075 (0.035)	0.077 (0.023)**
RM006	0.080 (0.040)	0.159 (0.053)**	0.086 (0.033)**
BM203	0.041 (0.021)	0.111 (0.016)**	0.073 (0.016)**
HEL11	0.024 (0.026)	0.080 (0.030)	0.057 (0.013)**
TGLA345	0.034 (0.025)	0.151 (0.053)**	0.121 (0.045)**
TGLA126	0.030 (0.032)	0.096 (0.030)**	0.068 (0.025)**
ETH185	0.012 (0.021)	0.069 (0.025)*	0.057 (0.011)**
HEL13	0.002 (0.038)	0.119 (0.074)**	0.117 (0.065)**
HEL9	0.042 (0.021)	0.136 (0.024)**	0.098 (0.020)**
Mean	0.027 (0.005)**	0.114 (0.007)**	0.090 (0.005)**

P* < 0.05.*P* < 0.01.

Structure ¹	Source of variation	Variation (%)	Fixation indices
No structure	Among populations	8.96	$F_{ST} = 0.08964$ ($P < 0.0001$)
	Within populations	91.04	
Geographical	Among groups	0.97	$F_{CT} = 0.00965$ ($P = 0.0496$)
	Among populations within groups	8.30	$F_{SC} = 0.08381$ ($P < 0.0001$)
	Within populations	90.73	
Morphological	Among groups	1.48	$F_{CT} = 0.01484$ ($P = 0.0419$)
	Among populations within groups	7.70	$F_{SC} = 0.07814$ ($P < 0.0001$)
	Within populations	90.82	
Cluster	Among groups	1.88	$F_{CT} = 0.01876$ ($P = 0.0072$)
	Among populations within groups	7.35	$F_{SC} = 0.07492$ ($P < 0.0001$)
	Within populations	90.77	

Table 5 Partitioning of genetic variability when geographic, morphological and cluster grouping of breeds were implemented.

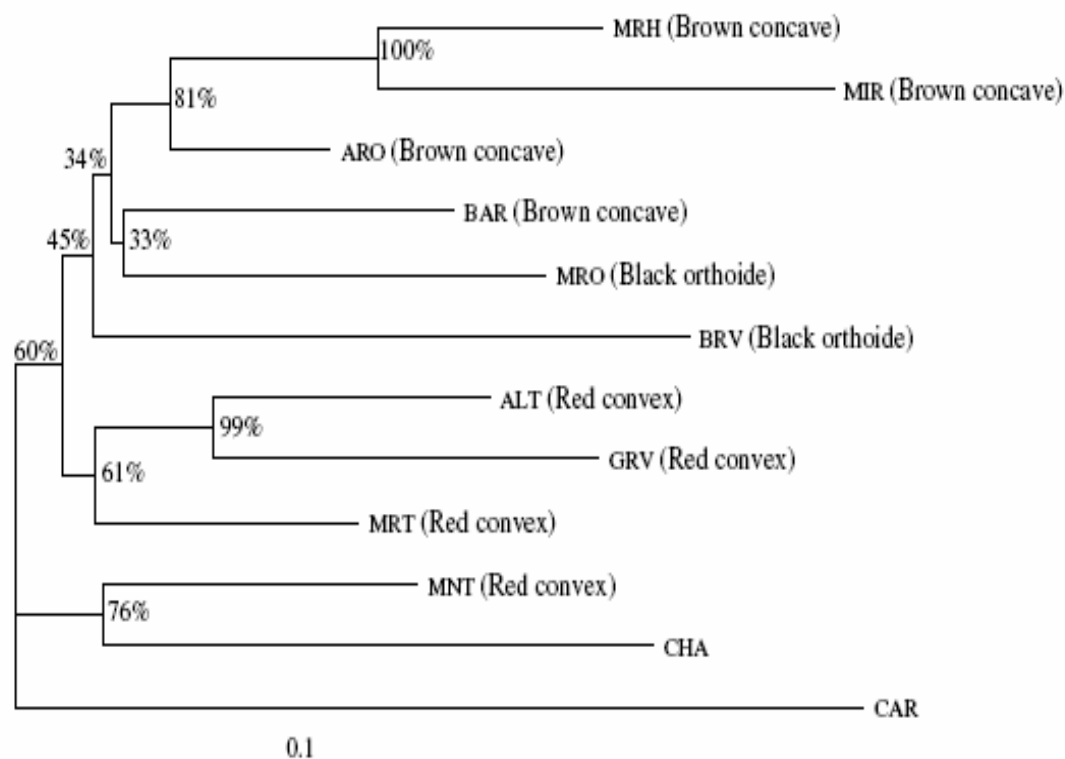
¹The following groups were defined. Geographic structure: (Mirandesa, Maronesa, Barrosã, Arouquesa, Marinhova, Minhota); (Brava de Lide, Mertolenga, Alentejana, Garvonesa); (Caracú, Charolais). Morphological structure: (Mirandesa, Marinhova, Arouquesa); (Maronesa, Brava de Lide); (Barrosã); (Alentejana, Garvonesa, Mertolenga, Minhota); (Caracú, Charolais). Cluster structure: (Mirandesa, Marinhova, Arouquesa); (Maronesa, Barrosã); (Brava de Lide); (Alentejana, Garvonesa, Mertolenga); (Minhota, Charolais, Caracú).

Table 6 D_A genetic distance (below diagonal) and F_{ST} between pairs of populations (above diagonal). Numbers in bold face are lowest and highest values of D_A and F_{ST} .

	ALT	ARO	BAR	BRV	CAR	GRV	MNT	MRH	MRT	MRO	MIR	CHA
ALT		0.0535*	0.0695*	0.1099*	0.1241*	0.0584*	0.0682*	0.0675*	0.0436*	0.0642*	0.1297*	0.1033*
ARO	0.1302		0.0374*	0.0669*	0.0918*	0.0722*	0.0413*	0.0441*	0.0326*	0.0475*	0.0994*	0.0626*
BAR	0.1457	0.0989		0.1006*	0.1213*	0.0881*	0.0716*	0.0678*	0.0526*	0.0611*	0.1215*	0.0997*
BRV	0.1816	0.1440	0.1683		0.1266*	0.1072*	0.0979*	0.1102*	0.0843*	0.0938*	0.1898*	0.1286*
CAR	0.2508	0.2071	0.2376	0.2604		0.1062*	0.1068*	0.1211*	0.0853*	0.0990*	0.1710*	0.1227*
GRV	0.1167	0.1524	0.1758	0.1954	0.2497		0.0702*	0.0913*	0.0505*	0.0837*	0.1434*	0.0970*
MNT	0.1562	0.1153	0.1492	0.2000	0.2343	0.1699		0.0712*	0.0383*	0.0710*	0.1467*	0.0567*
MRH	0.1576	0.1156	0.1539	0.1979	0.2576	0.1817	0.1598		0.0519*	0.0838*	0.0932*	0.1050*
MRT	0.1120	0.1032	0.1221	0.1722	0.2117	0.1391	0.1231	0.1410		0.0417*	0.1233*	0.0660*
MRO	0.1486	0.1158	0.1335	0.1856	0.2343	0.1936	0.1634	0.1757	0.1335		0.1401*	0.0904*
MIR	0.1989	0.1347	0.1772	0.2437	0.2956	0.2269	0.2236	0.1203	0.1922	0.2019		0.1709*
CHA	0.2105	0.1578	0.1973	0.2400	0.2503	0.2087	0.1526	0.2194	0.1658	0.2075	0.2751	

* $P < 0.05$.

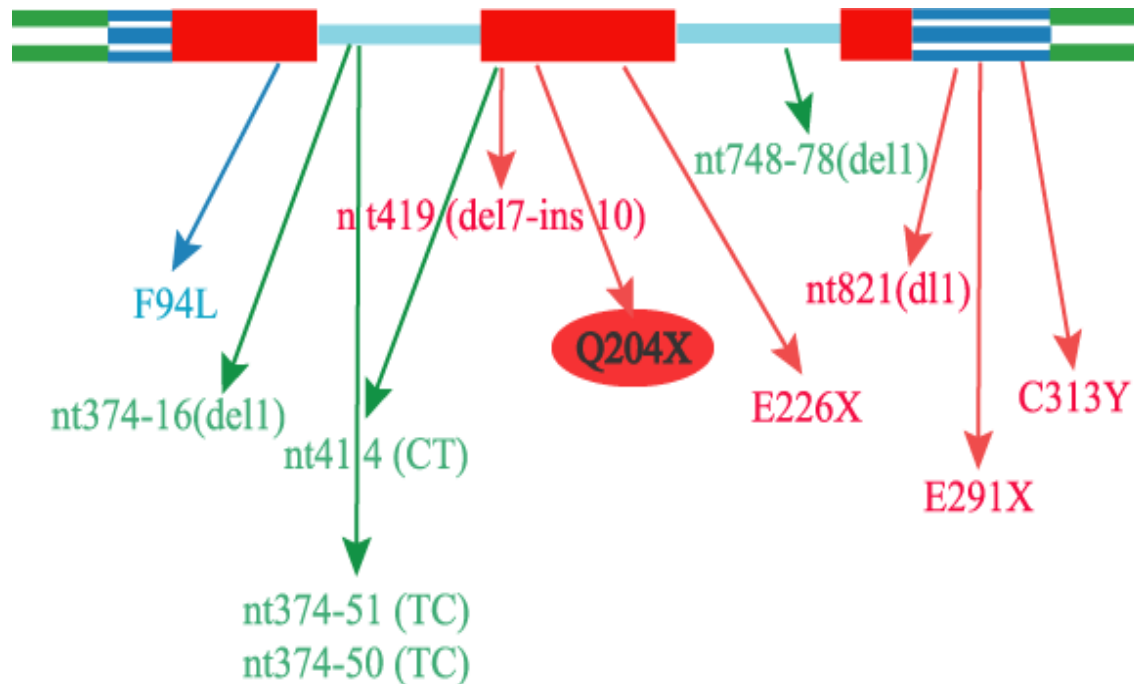
Figure 1 Neighbour-joining dendrogram of genetic relationships among 12 cattle breeds using D_A genetic distances based on 30 microsatellite loci. The numbers on the nodes are percentage bootstrap values in 1000 replications.



Příklady vytvoření molekulárně genetické diverzity chovatelem

Skot - v dřívější době Belgické modré, Charolais, Limousine atd.

- ▣ výběr zvířat: fenotyp zmasilá
- ▣ genotyp: mutace v MSTN



Příklady vytvoření molekulárně genetické diverzity chovatelem

- v novější době Holštýn, Red
- výběr zvířat: fenotyp Černostrakatý a Červenostřakatý
- genotyp mutace v genu



Příklad vytvoření biodiverzity u prasat

Selekce a šlechtění v posledních 10-ti letech:

Příklad u prasat:

- ❑ plemeno LW zachována variabilita v genu ESR
- ❑ plemeno L zahrnuje pouze homozygoty jednoho typu v genu ESR
- ❑ vytvořena diverzita mezi dvěma mateřskými plemeny

Příklad využití molekulárně genetické diverzity

Příklad k ochraně značkového vepřového masa:

- ❑ pigmentovaná prasata – extenzivní chov
- ❑ bílá prasata – intenzivní chov
- ❑ diverzita:
 - u živých zvířat pro chovatele, ukazatel zbarvení – fenotyp
 - u vepřového masa pro ochranu značky chovatele a zákazníka, ukazatel alely molekulárně genetického markeru KIT - genotyp







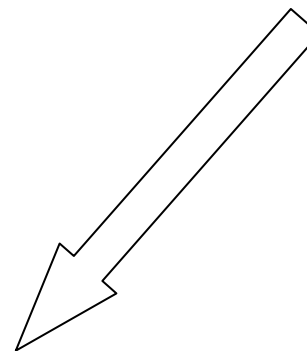
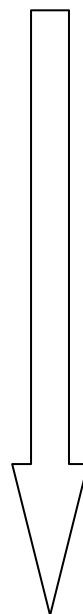
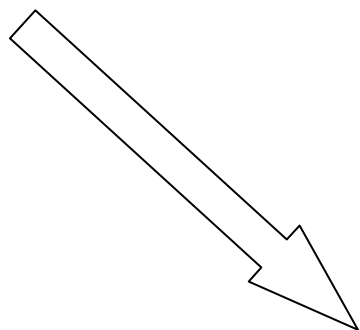
Mendelova zemědělská a
lesnická univerzita v Brně

Ústav genetiky
LAMGen



V roce 2004
uplynulo 120 let od
úmrtí J.G. Mendela

V roce 2004 uplynulo
51 let od objevení
struktury DNA



DĚKUJEME ZA POZORNOST